

# 枫香同工酶遗传多样性分析

柴国锋<sup>1,2</sup>, 郑勇奇<sup>1\*</sup>, 王良桂<sup>2</sup>, 张川红<sup>1</sup>, 黄发新<sup>3</sup>, 丁小飞<sup>3</sup>

(1. 林木遗传育种国家重点实验室, 中国林业科学研究院林业研究所, 北京 100091;

2. 南京林业大学, 江苏 南京 210037; 3. 湖北省林木育种中心, 湖北 武汉 430079)

**摘要:**对取自枫香 16 个群体的幼嫩叶片样品采用垂直板聚丙烯酰胺电泳技术进行了同工酶分析。结果表明:(1) 群体间的遗传结构差异显著。在所分析的 6 个酶系统共 6 个位点中, 各个位点的等位基因频率变化从 0~1 不等, 16 个群体中有 9 个群体存在稀有基因, 6 个群体存在特有基因, 一共发现了 4 个稀有基因, 3 个特有基因;(2) 枫香群体水平每位点等位基因数总平均为 3 个, 每位点有效等位基因数总平均为 1.855 7 个, 多态位点百分率总平均为 100%, 观察杂合度总平均为 0.582, 期望杂合度总平均为 0.443, Shannon 信息指数总平均为 0.711 0。从整体上看, 群体内的杂合子超过了哈代-温伯格平衡所要求的比例, 杂合子过量。(3) UPGMA 聚类分析显示, 枫香 16 个群体中分为 2 大类, 第 1 大类就是福建建瓯, 其他 15 个群体即为第 2 大类。在第 2 大类中遗传距离较远的群体是重庆丰都、安徽黄山, 它们与本类群体中其他 13 个群体的遗传距离较远, 而该 13 个群体间的遗传距离较近, 因此可以看出, 福建建瓯与其他群体间的遗传距离是最远的, 16 个群体基本上呈现按地理距离聚类的趋势, 与地理分布格局较吻合。

**关键词:**枫香; 同工酶; 遗传多样性

**中图分类号:**S718.46

**文献标识码:**A

## Genetic Diversity of Allozyme Markers of *Liquidambar formosana* Hance

CHAI Guo-feng<sup>1,2</sup>, ZHENG Yong-qi<sup>2</sup>, WANG Liang-gui<sup>2</sup>, ZHANG Chuan-hong<sup>1</sup>, HUANG Fa-xin<sup>3</sup>, DING Xiao-fei<sup>3</sup>

(1. State Key Laboratory of Tree Genetics and Breeding, Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China;

2. Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, Jiangsu, China; 3. Center for Forest Tree Breeding, Hubei Provincial

Forestry Bureau, Wuhan 430079, Hubei, China)

**Abstract:** The leaf samples from 16 *Liquidambar formosana* Hance populations were analyzed to study allozyme diversity using vertical slab polyacrylamide gel electrophoresis, and 6 loci of 6 enzyme systems were recorded. The results showed: (1) The genetic structures were different among populations. Allele frequencies ranged from 0—1.00, 4 rare genes and 3 unique genes were found in the assayed populations. At least 1 rare gene was found in 9 populations and 1 unique gene in 6 populations. (2) At species level, the mean number of alleles per locus was 3, the mean number of effective alleles per locus was 1.855 7, the percentage of polymorphic loci was 100%, and the observed heterozygosity was 0.582, the expected heterozygosity was 0.443, the mean value of Shannon index was 0.711 0. Overall, the proportion of heterozygotes within these populations was excessive. (3) According to the UPGMA cluster analysis based on Nei's genetic distance, the populations were classified into two groups, the Jian'ou population was clearly separated from all other populations by a large distance from other populations, and the rest 15 populations forming a big group, in which the populations of Fengdu and Huangshan were more distant from the other 13 populations, and genetic distances among the 13 populations were smaller from each other. The grouping of populations by cluster analysis was generally in consistence with the pattern of geographic distribution of the populations.

收稿日期: 2011-04-24

基金项目: “十一五”国家科技支撑计划课题“林木、花卉基因资源发掘与种质创新利用研究”(编号:2006BAD13B07)

作者简介: 柴国锋, 硕士, 主要研究方向: 园林植物. Email: chaiguofeng\_002@163.com.

\* 通讯作者: 博士生导师, 研究员. 主要研究方向: 林木遗传资源. Email: zhengyq@caf.ac.cn

**Key words:** *Liquidambar formosana*; allozyme; genetic diversity  
枫香 (*Liquidambar formosana* Hance.) 属金缕梅

科 (Hamamelidaceae) 枫香属, 是亚热带阔叶林地带性森林植被中的重要乔木树种, 在我国主要分布于秦岭及淮河以南, 越南北部、老挝及朝鲜南部也有分布<sup>[1]</sup>。枫香树高干直, 树冠宽阔, 气势雄伟, 深秋叶色红艳, 美丽壮观, 是著名的秋色叶树种。枫香树根系发达, 可作为涵养水源, 保持水土树种, 其落叶量大, 有助于改善土壤结构、增加土壤有机质含量。此外, 枫香生长快、防火性能强, 是种植混交林的理想树种<sup>[2]</sup>。遗传多样性反映物种内基因的丰富程度, 是生物多样性的基本组成部分, 通常用于描述种内遗传变异在群体间和群体内的分布模式<sup>[3]</sup>, 其大小和分布模式决定了物种适应环境变化的能力, 也是维持生态系统长期稳定的基础。同工酶作为一种遗传标记, 已被广泛应用于遗传、生物多样性和群体遗传学等研究<sup>[4-7]</sup>。同工酶电泳谱带同等位基因之间有明确的对应关系, 用于遗传多样性分析十分有效<sup>[8]</sup>。同工酶分析方法和设备简单, 试样需要量少, 分析灵敏度高, 实验所需时间短。本研究采用聚丙烯酰胺凝胶电泳分析技术, 旨在揭示枫香群体间及群体内遗传多样性及其分布模式, 了解枫香群体遗传结构和变异程度, 为保护与合理利用枫香遗传资源提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

实验样品分别取自安徽黄山、重庆丰都、海南霸王岭、广西岑溪、四川广元、云南富宁、广东翁源、湖北松滋、福建建瓯、甘肃康县、浙江开化、江苏南京、湖南桑植、安徽霍山、江西婺源、河南南阳等 16 个群体 (表 1)。每个群体随机选 40 ~ 50 个单株作为采样树, 每株采集枝条顶部 5 ~ 7 片幼嫩叶, 将叶片在冰箱中于 0 ~ -4 °C 保存。

### 1.2 同工酶电泳

将叶片研磨后, 用 10 mL 酶研磨提取液, 在冰浴中提取酶蛋白, 外加少量 PVP 以保护其酶蛋白的活性, 最后将酶提取液放入离心管中, 放入 -80 °C 低温冰箱保存备用。6 种酶系统及其结构见表 2。同工酶分析方法采用垂直板聚丙烯酰胺电泳技术, 其中实验方法和酶谱分析参照王中仁<sup>[9]</sup>和丁小飞<sup>[10]</sup>的方法。

### 1.3 数据处理

实验数据利用 Popgene (version 1.30) 软件进行计算。以各个基因位点的等位基因频率为基本数据, 分析以下遗传参数:

表 1 枫香各采样群体的地理位置与气候因子

群体编号	群体 (简称)	纬度 (N) / (°)	经度 (E) / (°)	海拔 / m	年均气温 / °C	年降水量 / mm
1	四川广元 (C)	32.52	105.59	1 200	12.0	1 100
2	江苏南京 (京)	32.37	119.14	50	15.4	1 200
3	安徽黄山 (黄)	31.10	118.10	1 841	15.5	1 395
4	浙江开化 (K)	29.13	118.40	1 453	16.3	1 762
5	甘肃康县 (G)	34.90	104.60	1 521	10.9	807
6	福建建瓯 (J)	27.03	118.20	500	18.7	1 662
7	江西婺源 (U)	29.25	117.86	831	16.7	1 847
8	云南富宁 (F)	23.63	105.62	648	19.3	1 184
9	广东翁源 (W)	24.35	114.13	700	20.3	1 760
10	河南南阳 (南)	32.99	112.52	367	15.7	1 168
11	湖北松滋 (SZ)	30.18	111.77	424	16.5	1 204
12	广西岑溪 (岑)	22.92	110.99	591	21.3	1 466
13	重庆丰都 (丰)	29.84	107.73	1 270	18.3	1 087
14	湖南桑植 (桑)	29.39	110.16	1 050	16.7	1 400
15	海南霸王岭 (B)	19.60	110.70	800	24.3	1 800
16	安徽霍山 (山)	31.70	116.50	1 774	15.1	1 391

表 2 实验中分析的 6 种酶系统及其结构

缩写	名称	结构	酶代码
AAT (GOT)	天冬氨酸氨基转移酶	二聚体	E. C. 2. 6. 1. 1
MNR	甲酮还原酶	单或二聚体	E. C. 1. 6. 99. 2
GDH	谷氨酸脱氢酶	四聚体	E. C. 1. 4. 1. 2
6PGD	6-磷酸葡萄糖酶	二聚体	E. C. 1. 1. 1. 44
SKD (SHDH)	草酸脱氢酶	单体	E. C. 1. 1. 1. 25
LAP (AMP)	亮氨酸氨基肽酶	单体	E. C. 3. 4. 11. 1

(1) 多态位点百分率 ( $P$ );

(2) 平均等位基因数 ( $N_a$ ):  $N_a = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n a_i$ ;

(3) 有效等位基因数 ( $N_e$ ):  $N_e = 1 / \left( \sum_{i=1}^m p_i^2 \right)$ ;

(4) 期望杂合度 ( $H_e$ ):  $H_e = 1 - \sum_{i=1}^m p_i^2$ ;

(5) 观察杂合度 ( $H_o$ );

(6) Shannon 信息指数 ( $I_s$ ):  $I_s = \sum_{i=1}^n p_i \ln p_i$ ;

(7) 分别计算 Nei 氏遗传一致度 ( $I$ ):  $I = \frac{J_{xy}}{\sqrt{J_x J_y}}$

和遗传距离 ( $D$ ):  $D = -\ln I$ , 并以遗传距离为基数, 用 UPGMA 法对各群体进行聚类分析。

(8) 用  $F$ -统计量:  $(1 - F_{is})(1 - F_{st}) = 1 - F_{it}$  来描述不同群体间的分化程度,  $F_{is}$  和  $F_{it}$  分别为亚群体和总群体内的固定系数 (相当于近交系数),  $F_{st}$  为群体分化系数。上述公式中,  $m$  为单个位点的等位基因数,  $n$  为分析位点总数,  $a_i$  为第  $i$  个位点上等位基因数,  $p_i$  为第  $i$  个等位基因的频率,  $J_x$ 、 $J_y$  分别表示从  $X$ 、 $Y$  群体内选出相同等位基因的平均频率; 而  $J_{xy}$  则是从  $X$  和  $Y$  群体间同时选出相同等位基因的频率。

## 2 结果与分析

### 2.1 遗传多样性分析

等位基因 *LAP-B*、*GOT-A*、*MNR-C*、*GDH-A*、*SHDH-B* 具有较高的频率(表3),而 *LAP-A*、*LAP-C*、*LAP-D*、*GOT-B*、*GOT-C*、*MNR-A*、*MNR-B*、*GDH-B* 和

*GDH-C* 频率较低。在物种水平上,等位基因频率不小于 0.60 的为常见基因,等位基因频率小于 0.05 的称为稀有基因(表4),只在 2 个以下群体中出现的基因为特有基因。16 个枫香群体中,存在稀有基因的有 B、C、F、J、K、SZ、丰、京、桑 9 个群体,而 G、U、W、岑、黄、南、山这 7 个群体中没有稀有基因;

表3 16个群体的等位基因频率

位点	等位基因	群体							
		B	C	F	G	J	K	SZ	U
LAP	A	0.045 5	0.294 1	0.257 1	0.312 5	-	0.375 0	0.328 1	0.214 3
	B	0.924 2	0.676 5	0.742 9	0.687 5	-	0.625 0	0.640 6	0.385 7
	C	0.015 2	0.029 4	-	-	-	-	0.031 2	0.400 0
	D	0.015 2	-	-	-	-	-	-	-
GOT	A	1.000 0	0.722 2	0.675 0	0.217 4	0.972 2	0.675 7	0.083 3	0.594 6
	B	-	0.277 8	0.325 0	0.782 6	0.027 8	0.324 3	0.916 7	0.405 4
	C	-	-	-	-	-	-	-	-
MNR	A	0.314 8	0.087 5	0.025 6	-	-	-	0.026 3	-
	B	-	-	0.076 9	-	-	0.041 7	0.092 1	-
	C	0.685 2	0.912 5	0.897 4	1.000 0	-	0.958 3	0.881 6	1.000
GDH	A	0.750 0	0.575 0	0.800 0	0.733 3	0.500 0	-	0.775 0	-
	B	0.062 5	-	-	0.066 7	-	-	0.200 0	-
	C	0.187 5	0.425 0	0.200 0	0.200 0	0.500 0	-	0.025 0	-
SHDH	A	0.500 0	0.052 6	0.129 0	0.297 3	-	0.500 0	0.500 0	0.192 3
	B	0.500 0	0.947 4	0.871 0	0.702 7	0.800 7	0.500 0	0.500 0	0.807 7
	C	-	-	-	-	0.192 3	-	-	-
6PGD	A	-	-	0.512 5	0.500 0	0.387 1	-	-	0.500 0
	B	-	-	0.487 5	0.500 0	0.612 9	-	-	0.500 0

位点	等位基因	群体							
		W	岑	丰	黄	京	南	桑	山
LAP	A	-	-	-	-	0.083 3	0.277 8	0.171 4	0.350 0
	B	-	-	-	-	0.222 2	0.611 1	0.628 6	0.650 0
	C	-	-	-	-	0.694 4	0.111 1	0.142 9	-
	D	-	-	-	-	-	-	0.057 1	-
GOT	A	1.000 0	0.934 2	0.173 9	0.136 4	0.625 0	0.552 6	0.641 0	0.142 9
	B	-	0.065 8	0.826 1	0.863 6	0.375 0	0.394 7	0.359 0	0.785 7
	C	-	-	-	-	-	0.052 6	-	0.071 4
MNR	A	-	-	-	-	0.071 4	0.234 4	0.078 9	0.178 6
	B	0.073 5	0.108 1	-	0.075 0	0.071 4	-	-	-
	C	0.926 5	0.891 9	1.000 0	0.925 0	0.857 1	0.765 6	0.921 1	0.821 4
GDH	A	0.612 5	0.666 7	0.071 4	-	0.500 0	0.500 0	0.724 1	0.500 0
	B	0.137 5	0.121 2	0.928 6	-	-	0.500 0	0.017 2	0.500 0
	C	0.250 0	0.212 1	-	-	0.500 0	-	0.258 6	-
SHDH	A	0.500 0	0.138 9	0.047 6	-	0.205 9	0.500 0	-	0.500 0
	B	0.500 0	0.861 1	0.952 4	1.000 0	0.764 7	0.500 0	-	0.500 0
	C	-	-	-	-	0.029 4	-	-	-
6PGD	A	-	0.500 0	0.464 3	0.903 8	-	0.500 0	-	0.500 0
	B	-	0.500 0	0.535 7	0.096 2	-	0.500 0	-	0.500 0

注：“-”表示无数据。

表4 枫香各基因位点等位基因频率

基因	<i>MNR-A</i>	<i>MNR-B</i>	<i>MNR-C</i>	<i>GDH-A</i>	<i>GDH-B</i>	<i>GDH-C</i>
平均频率	0.063 594	0.033 669	0.840 225	0.481 75	0.158 356	0.172 388
基因	<i>SHDH-A</i>	<i>SHDH-B</i>	<i>SHDH-C</i>	<i>6PGD-A</i>	<i>6PGD-B</i>	<i>LAP-A</i>
平均频率	0.253 975	0.669 231	0.0138 56	0.297 981	0.264 519	0.169 319
基因	<i>LAP-B</i>	<i>LAP-C</i>	<i>LAP-D</i>	<i>GOT-A</i>	<i>GOT-B</i>	<i>GOT-C</i>
平均频率	0.424 644	0.089 013	0.004 519	0.571 65	0.420 594	0.007 75

6个群体存在特有基因,分别是B中的 *LAP-D*,J中的 *SHDH-C*,京中的 *SHDH-C*,南中的 *GOT-C*,桑中的 *LAP-D* 和山中的 *GOT-C*。枫香的16个群体中发现有4个稀有基因,3个特有基因,正是表明了其群体遗传组成已经发生了变化。

从表5中可以看出:枫香群体水平的每个位点

等位基因总的平均数为3个,总的平均有效等位基因约为1.86个,总的多态位点百分率为100%,总的平均观察杂合度为约0.58,总的平均期望杂合度约为0.44,总的平均Shannon信息指数为0.711。

表5 枫香16个群体遗传多样性指标

群体	样本数量/个	平均等位基因数( $N_a$ )	有效等位基因数( $N_e$ )	多态位点比率( $P$ )/%	观察杂合度( $H_o$ )	期望杂合度( $H_e$ )	信息指数( $I$ )
B	69	2.4	1.517 7	66.67	0.325 6	0.299 2	0.471 8
C	53	2.2	1.552 4	88.30	0.219 6	0.328 2	0.500 7
F	70	2.2	1.565 1	100.00	0.555 0	0.347 2	0.527 8
G	48	2.0	1.617 4	83.33	0.394 9	0.359 3	0.529 4
J	66	2.0	1.602 7	66.67	0.539 7	0.34	0.494 3
K	61	2.0	1.687 3	66.67	0.361 1	0.377 5	0.539 5
SZ	68	2.6	1.587 6	83.33	0.412 8	0.346 5	0.555 5
U	54	2.0	1.840 2	66.67	0.316 9	0.396 1	0.584 4
W	74	2.0	1.587 0	50.00	0.465 8	0.299 1	0.468 9
岑	69	2.2	1.535 4	83.33	0.437 4	0.315 0	0.507 2
丰	33	1.8	1.329 1	66.67	0.233 3	0.209 1	0.320 3
黄	55	1.8	1.169 9	50.00	0.048 1	0.139 7	0.245 3
京	66	2.6	1.734 8	83.33	0.362 1	0.418 3	0.658 5
南	43	2.3	1.962 3	100.00	0.549 6	0.498 4	0.724 6
桑	70	2.8	1.736 1	66.67	0.228 5	0.397 3	0.654 6
山	42	2.2	1.800 9	100.00	0.569 8	0.469 6	0.642 0
总平均数	763	3.0	1.855 7	100.00	0.581 8	0.442 9	0.711 0

在群体水平上,每个位点平均等位基因数在16个群体间存在一定的波动,但总的情况是重庆丰都和安徽黄山的等位基因数均为1.8,明显低于其他14个群体。有效等位基因数介于1.169 9~1.962 3,以河南南阳群体最高,安徽黄山最低。各个群体内观察杂合度值变动范围为0.048 1~0.569 8,以安徽霍山群体最高,安徽黄山最低。相应的期望杂合度和Shannon信息指数的变动范围分别为0.139 7~0.498 4和0.245 3~0.724 6。说明枫香各个群体之间的遗传多态性水平差异还是比较大的。

由图1~3所示:从平均每个位点上的有效等位基因数目、平均期望杂合度和Shannon信息指数3个参数来看,枫香16个群体中,遗传多样性最高的群体是河南南阳,而遗传多样性最低的群体是安徽黄山与重庆丰都,虽然表面上南北群体遗传多样性排序混乱,但是从大的趋势上看,处于我国地理偏南方的地区,他们群体遗传多样性大多较小;而处于我国地理偏北方的地区,他们群体遗传多样性较高。就以平均每个位点上的有效等位基因数目的排列顺

序而言,海南霸王岭群体比广西岑溪、四川广元、云南富宁、广东翁源等相对位于我国北部的群体遗传多样性低,并且这些相对位于我国东南部的群体遗传多样性均小于我国西北部的甘肃康县这个群体;从平均期望杂合度排列顺序来看,不同是广东翁源小于海南霸王岭群体,安徽霍山也在遗传多样性的排列靠前的许多;但是在Shannon信息指数排列中与有效等位基因数排列相似。从这3个排列顺序中可以看出,位居于我国东部的群体遗传多样性比我国西部群体遗传多样性较小些,而位于我国南部的群体遗传多样性比我国北部群体多样性较差些。

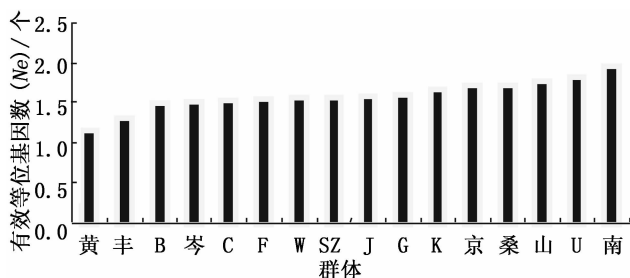


图1 枫香16个群体的有效等位基因数( $N_e$ )排序

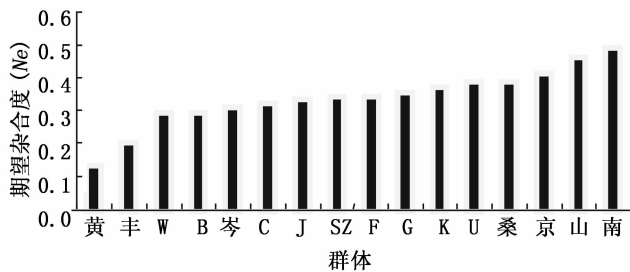


图2 枫香 16 个群体的平均期望杂合度( $H_e$ )排序

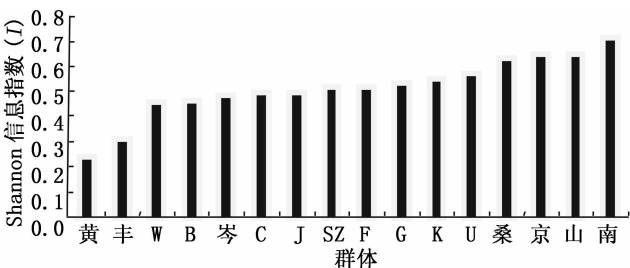


图3 枫香 16 个群体的 Shannon 信息指数( $I$ )排序

此外,群体中有 6 个群体观察杂合度( $H_o$ ) 低于期望杂合度( $H_e$ ),而其他 10 个群体中  $H_o$  高于  $H_e$ 。从整体上看,群体内的杂合子还是超过了达到平衡所要求的比例,杂合子过量。

2.2 群体遗传距离

根据 Nei (1972) 的方法计算出遗传距离和遗传一致度(表 6)。枫香 16 个群体间的遗传距离的约为 0.067 ~ 1.179,其中,遗传距离最远的是湖北松滋与福建建瓯,数值约为 1.179,最近的为甘肃康县与云南富宁,其值约为 0.067。遗传一致度最高的是甘肃康县与安徽霍山之间为 0.941 6,最低的是安徽黄山和海南霸王岭之间,其值为 0.364 0。就遗传距离而言,最远的是湖北松滋与福建建瓯,数值为 1.179 3,最近的为甘肃康县与云南富宁,其值为 0.066 9。

表 6 枫香 16 个群体遗传距离(对角线下方)以及遗传一致度(对角线上方)

群体	B	C	F	G	J	K	SZ	U	W	岑	丰	黄	京	南	桑	山
B	****	0.8741	0.8399	0.7134	0.6022	0.8152	0.7046	0.6549	0.8401	0.7434	0.3920	0.3640	0.7476	0.8366	0.8469	0.6603
C	0.1345	****	0.9162	0.8338	0.6571	0.8509	0.7800	0.7957	0.8163	0.8192	0.6012	0.6221	0.8777	0.8464	0.8404	0.7118
F	0.1744	0.0875	****	0.9353	0.7301	0.7892	0.7872	0.8631	0.7649	0.8956	0.6740	0.7016	0.7921	0.9411	0.8131	0.8378
G	0.3377	0.1818	0.0669	****	0.5490	0.7690	0.9065	0.8408	0.6494	0.7728	0.7563	0.7727	0.7475	0.9304	0.7831	0.9416
J	0.5071	0.4200	0.3146	0.5996	****	0.4137	0.3075	0.6102	0.6597	0.8401	0.4618	0.4531	0.6223	0.6803	0.4419	0.4374
K	0.2043	0.1615	0.2368	0.2626	0.8826	****	0.7736	0.8338	0.7763	0.6833	0.5821	0.5982	0.7442	0.7965	0.7639	0.7450
SZ	0.3501	0.2485	0.2392	0.0982	1.1793	0.2567	****	0.6715	0.6284	0.5876	0.6603	0.6303	0.7184	0.8023	0.7879	0.8911
U	0.4233	0.2286	0.1472	0.1734	0.4940	0.1817	0.3982	****	0.6878	0.8297	0.7771	0.8194	0.8060	0.8427	0.6535	0.7912
W	0.1742	0.2030	0.2679	0.4317	0.4159	0.2533	0.4646	0.3743	****	0.8806	0.5281	0.4804	0.8126	0.7565	0.7652	0.5749
岑	0.2966	0.1995	0.1103	0.2578	0.1743	0.3808	0.5317	0.1867	0.1272	****	0.6995	0.6893	0.7870	0.8316	0.6846	0.6756
丰	0.9366	0.5088	0.3945	0.2793	0.7726	0.5411	0.4150	0.2522	0.6386	0.3574	****	0.8313	0.5980	0.6350	0.4481	0.8137
黄	1.0105	0.4747	0.3544	0.2578	0.7917	0.5139	0.4615	0.1992	0.7332	0.3721	0.1848	****	0.6187	0.6500	0.4310	0.7180
京	0.2909	0.1304	0.2331	0.2910	0.4743	0.2955	0.3307	0.2157	0.2076	0.2396	0.5142	0.4801	****	0.7913	0.7753	0.6359
南	0.1785	0.1668	0.0607	0.0722	0.3853	0.2275	0.2202	0.1712	0.2790	0.1844	0.4542	0.4308	0.2341	****	0.8061	0.8842
桑	0.1662	0.1738	0.2070	0.2445	0.8167	0.2693	0.2383	0.4254	0.2676	0.3789	0.8027	0.8416	0.2545	0.2156	****	0.6901
山	0.4150	0.3399	0.1770	0.0601	0.8269	0.2943	0.1153	0.2343	0.5535	0.3922	0.2061	0.3312	0.4528	0.1231	0.3710	****

为了进一步探讨枫香各个群体间的关系,以 Nei (1972) 遗传距离进行 UPGMA 聚类分析,得到 16 个群体间的聚类图。从图 4 中可以看出:枫香 16 个群体分为 II 大类,第 I 大类就是福建建瓯(J),其他 15 个群体即为第 II 大类。在第 II 大类中,主要是重庆丰都、安徽黄山和江苏南京的群体与其他群体的遗传距离较远外,其他群体间的遗传距离比较近,因此,可以看出福建建瓯与其他群体间的遗传距离是最远的。

2.3 群体遗传分化

枫香的主要变异是在群体间,因此枫香遗传改

良应尽可能从更多不同群体选择收集优良材料来构建育种群体,扩大育种群体的遗传基础。

3 结论与讨论

3.1 枫香遗传多样性

从各个位点的等位基因频率分布来看,参试的枫香 16 个群体共发现 4 个稀有基因,3 个特有基因。对大多数多态位点来说,各个群体通常共享常见基因,而稀有基因通常分布范围有限。地方性特有基因是群体为适应特定环境而产生的,其存在反映了群体遗传组成上的差异。本研究发现:枫香的遗传

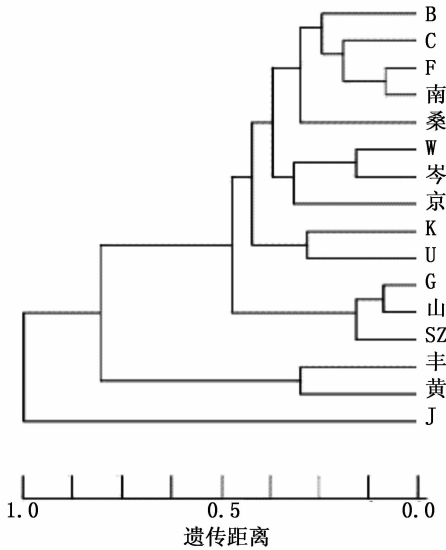


图4 枫香16个群体 Nei's 遗传距离聚类图

多样性水平 ( $P = 100\%$ ,  $N_a = 3$ ,  $H_e = 0.4429$ ), 明显高于其他多年生木本植物的平均值 ( $P = 49.3\%$ ,  $N_a = 1.76$ ,  $H_e = 0.148$ )<sup>[11]</sup>。观测杂合度较大, 表明枫香采样群体遗传基础较广, 遗传多样性丰富, 这与其群体的交配系统、基因流等因素有关, 今后应开展枫香群体交配系统的研究, 深入了解其对枫香群体遗传结构和遗传多样性的影响。

根据本研究获得的有效等位基因数目、平均期望杂合度和 Shannon 信息指数 3 个参数的观测值, 位居于我国东部的枫香群体遗传多样性比我国西部群体的遗传多样性较小些, 而位于我国南部的群体遗传多样性比我国北部群体多样性较差些, 产生这种变化趋势的原因可能与枫香群体分布模式和群体间基因交流状况有关。

### 3.2 枫香群体间遗传距离

根据 UPGMA 聚类结果 (图 4) 分析看出: 16 个群体基本上呈现按地理距离聚类的趋势, 与地理分布格局较为吻合; 而遗传距离与地理距离的一致性, 不同树种表现出不同的规律, 如花楸树<sup>[12]</sup>遗传距离与地理距离相关性不显著; 紫荆<sup>[13]</sup>的遗传多样性群体聚类与其地理分布格局大致吻合, 但群体间遗传距离与地理距离无明显相关性。

### 3.3 枫香群体间的分化

群体间的变异可以反映树木群体在地理、生殖上的隔离, 群体间变异也是种内多样性的重要组成部分<sup>[15]</sup>。研究表明 (表 7): 枫香群体间的分化远大于其他树种如紫荆<sup>[13]</sup>、花楸<sup>[12]</sup>、百合<sup>[17]</sup>、蒙古栎<sup>[18]</sup>、黑荆和银荆<sup>[19]</sup>。

表7 F 统计指数及基因流

位点	Fis	Fit	Fst
LAP	0.412 4	0.765 0	0.600 1
GOT	0.966 5	0.979 9	0.398 6
MNR	0.507 6	0.723 7	0.438 9
GDH	-0.536 0	0.247 2	0.509 9
SHDH	-0.692 0	-0.100 3	0.349 7
6PGD	-0.898 5	0.415 3	0.692 0
平均	-0.034 6	0.494 9	0.511 8

### 参考文献:

- [1] 郑万钧. 中国树木志(2) [M]. 北京: 中国林业出版社, 1985: 1888 - 1889
- [2] 张锡象, 陈建松. 保护乡土树种维护生态平衡[J]. 中国林业, 2004(9): 32
- [3] Wilson J E. The biological diversity crisis [J]. BioScience, 1985, 35 (11): 700 - 706
- [4] 王淑珍. 孢子诱变菌株 CJL990 灵芝过氧化物酶和酯酶同工酶的研究[J]. 上海师范大学学报: 自然科学版, 2000, 29(4): 69 - 73
- [5] 丁毅, 宋远淳. 大麦酯酶同工酶酶谱的聚类分析与遗传研究[J]. 武汉大学学报: 自然科学版, 1995, 41(6): 729 - 734
- [6] 孙立军, 高吉寅, 关建平. 中国大麦酯酶同工酶的多样性及其地理分布研究[J]. 作物品种资源, 1995, 2(2): 1 - 5
- [7] 李小林. 世界苹果属植物酯酶同工酶分析[J]. 西南农业大学学报, 1997, 19(2): 105 - 111
- [8] 葛颂. 遗传多样性及其检测方法 [M]. 北京: 科学出版社, 1994: 68 - 77
- [9] 王中仁. 植物等位酶分析 [M]. 北京: 科学出版社, 1996: 38 - 43
- [10] 丁小飞. 同工酶技术在鹅掌楸属树种分类中的应用研究[J]. 湖北林业科技, 2009(2): 5 - 8
- [11] Hamrick J L. Isozymes and the analysis of genetic structure in plant populations [M] // Soltis D E, Soltis P S. Isozymes in Plant Biology, London: Chapman and Hall, 1990: 87 - 105
- [12] 郑健, 郑勇奇. 花楸树天然群体的遗传多样性研究[J]. 生物多样性, 2008, 6(6): 562 - 569
- [13] 竺利波. 紫荆遗传多样性研究[J]. 中国农学通报, 2007, 7(3): 138 - 145
- [14] Honey M T, Parks C R. Genetic divergence in *Liquidambar styraciflua*, *L. formosana*, and *L. acalycina* (Hamamelidaceae) [J]. Systematic botany, 1994, 19(2): 308 - 316
- [15] Daniel L H, Andrew G C. Principles of population genetics [M]. Sinauer Associates: Inc., 2007
- [16] 庞广昌, 姜冬梅. 群体遗传多样性和数据分析[J]. 林业科学, 1995, 31(6): 543 - 550
- [17] 胡树贵, 李艳. 44 个百合品种同工酶遗传多样性研究[J]. 西部林业科学, 2009, 38(4): 27 - 35
- [18] 李文英, 顾万春. 蒙古栎天然群体表型多样性研究[J]. 林业科学, 2005, 41(1): 49 - 56
- [19] 付增娟, 张川红. 黑荆和银荆的繁殖扩散和入侵潜力[J]. 林业科学, 2006, 42(10): 52 - 58